

Symposium
**"Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und
Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für
Erhaltungsmaßnahmen"**

Zusammenfassende Diskussion und Schlussfolgerungen des Beirats für Genetische Ressourcen beim BMVEL

von H.-R. Gregorius, B. Harlizius und J. Engels¹

Ausgangslage

Genetische Vielfalt ist die natürliche Voraussetzung für Anpassung an räumlich und zeitlich wechselnde Anforderungen der Umwelt. Es ist nicht zuletzt dieser Wechsel in den Anforderungen, der in evolutionären Zeiträumen eine kaum zu ermessende Vielfalt von Eigenschaften hervorbrachte, deren adaptive Bedeutung uns meist verschlossen bleibt, die aber die Grundlage für die Nutzung durch den Menschen bilden. Die Verfolgung von Züchtungszielen, welche gerade bei der Selektionszüchtung unter starker Einengung des genetischen Spektrums des Ausgangsmaterials und unter entsprechender Kontrolle der Umwelt-, Anbau- bzw. Haltungsbedingungen zu erreichen sind, richtet sich also letztlich gegen ihre eigene Grundlage der Vielfalt. Sie tut dies in der vom Menschen genutzten Landschaft umso mehr, je großflächiger ein vollständiger Ersatz des ursprünglichen Wildmaterials (Wildpopulationen) durch Züchtungsprodukte stattfindet. Auf diese Weise werden sowohl das genetische Potenzial für den weiteren Züchtungsfortschritt erheblich geschmälert als auch die Regulationsmöglichkeiten und Interaktionen mit den entsprechenden Umwelt-, Anbau- und Haltungsbedingungen erschwert. Vor allem aus dieser Entwicklung erklärt sich die elementare Bedeutung, welche inzwischen dem Schutz und der Entwicklung genetischer Ressourcen zugemessen wird.

Nutzpflanzen-, Forstpflanzen-, Nutztier- und Fischzüchtung sind auf unterschiedliche Weise von der Einengung der genetischen Vielfalt betroffen. Dies liegt nicht zuletzt in den Unterschieden der verwendeten Züchtungsmethoden und der Reproduktionsbiologie der Organismen begründet. So arbeitet z.B. der Nutzpflanzenanbau zu weiten Teilen mit Sorten², die den Kriterien der Unterscheidbarkeit zwischen Sorten, der Homogenität innerhalb der Sorte, deren Beständigkeit und der Neuheit entsprechen, und damit kaum noch mit natürlichen, sich selbst regenerierenden heterogenen Populationen, wie dies in der Forst- und Fischereiwirtschaft noch weitgehend der Fall ist. Die Nutztierhaltung nimmt hier mit der Züchtung von Rassen³ eher eine intermediäre Stellung ein. Sie hat allerdings in deutlich höherem Umfang als in den anderen drei Bereichen ihr Ausgangsmaterial (wild lebende Arten) vollständig durch Züchtungsprodukte ersetzt. Diese Situation beschränkt die Möglichkeiten der Erhaltung und Entwicklung tiergenetischer Ressourcen im Wesentlichen auf die sich in der Haltung befindlichen Populationen. Im Bereich der Forstpflanzen- und Fischzüchtung, sowie in beschränkterem Umfang auch der Nutzpflanzenzüchtung, ist

¹ Die Autoren bedanken sich bei den Vorsitzenden der Fachbeiräte und dem Sekretariat des Beirats für deren konstruktive Unterstützung bei der Erstellung dieser Zusammenfassung.

² Der Begriff „Sorte“ ist juristisch im Sortenschutzgesetz (SortG) in der Neufassung der Bekanntmachung vom 19. Dezember 1997 (BGBl. I S. 3164), zuletzt geändert durch Artikel 148 der Verordnung vom 25. November 2003 (BGBl. I S. 2304) definiert.

³ Der Begriff Rasse ist historisch gewachsen und nicht wie der Begriff „Sorte“ juristisch definiert. Er bezieht sich auf eine von einer Züchtervereinigung im Rahmen eines Zuchtprogramms geführte Nutztierpopulation, welches das Zuchtziel und den Rassestandard definiert. Geografisch, morphologisch oder anderweitig ähnliche Populationen können zu einer Rasse zusammengefasst werden.

dagegen ein Rückgriff auf genetische Variation in verwandten, heimischen, züchterisch weitgehend unbearbeiteten Wildarten noch möglich.

Aktuelle Problemstellungen zur Analyse und Charakterisierung genetischer Vielfalt

Die derart entstandenen unterschiedlichen Ausgangslagen sind von entsprechend unterschiedlichen aber auch ähnlichen Methoden zur Charakterisierung genetischer Ressourcen und daraus ableitbarer Maßnahmen zu ihrem Schutz und ihrer Entwicklung begleitet. Zentraler Gegenstand der Überprüfung der Ausgangsformen ist die Messung genetischer Variation. Sie besteht vor allem in der Anwendung deskriptiver und induktiver Methoden der Statistik auf genetische Marker, wesentlich genetisch bestimmte phänotypische Merkmale und indirekte Kenngrößen genetischer Variation. Unter den genetischen Merkmalen können grundsätzlich zwei an ihrem Verwendungszweck ausgerichtete Kategorien unterschieden werden: (i) Merkmale, von welchen angenommen wird, daß sie einzeln oder in Kombination als Indikatoren von gesamtgenetischer Variation bedeutsam sind, und (ii) Merkmale, welche eher spezifischen Funktionen zugeordnet werden können.

Besonders in Abhängigkeit von den Reproduktionsbedingungen einer Ressource kann es wichtig sein, unterschiedliche Integrationsebenen genetischer Information in die Variationsmessung aufzunehmen. So ist z.B. eine fremdbefruchtende Art vor allem durch die Gene charakterisiert, welche im Rekombinations- und Paarungsprozess immer wieder erneut zu Genotypen zusammengestellt werden. Gen- bzw. Allelerhaltung wären hier das Ziel der dynamischen Sicherung einer genetischen Ressource, und entsprechend wären "Genmarker" und Maße "genischer" Variation von Bedeutung. Kernkodierte genetische Marker sollten daher möglichst kodominant sein. Dagegen wird vor allem in Verbindung mit dauerhaft statisch zu erhaltenden Genressourcen genetische Variation durch die spezifische Integration von Genen in Genotypen bestimmt. Genetische Marker und Maße genetischer Variation müssen folglich auf der Ebene von Genotypen operieren. Extranukleare genetische Marker, wie sie in Mitochondrien oder Plastiden vorliegen, werden aufgrund der weitgehenden Abwesenheit von Rekombination allgemein durch Haplotypen charakterisiert. Die Messung ihrer Variation ist methodisch ähnlich der von Allelen eines Genlocus und von Genotypen.

Die bevorzugten genetischen Marker sind Genmarker, da sich nahezu alle Untersuchungen an den Genbeständen (Genpools) der Populationen orientieren und da die Verwendung von Genmarkern die mit Dominanzeffekten verbundenen Schwierigkeiten der modellgestützten Schätzung von Genhäufigkeiten umgeht. Entsprechend finden Maße zur Differenzierung von Genbeständen Anwendung. Dem Anspruch, mit vergleichsweise wenigen Genmarkern gesamtgenetische Unterschiede zwischen Populationen einschätzen zu können, versucht man durch die Bevorzugung vermutlich selektionsneutraler genetischer Merkmale gerecht zu werden. Von diesen wird angenommen, daß sie eher die gesamtgenetische Variation im Sinne einer Zufallsstichprobe aus der Grundgesamtheit der genetischen Merkmale repräsentieren.

Allerdings wird auch bei dieser Auswahl genetischer Merkmale die "alleinige Verwendung von molekulargenetischen Markern" als "nicht ausreichend" erachtet (Distl). Diese zurückhaltende Wertung findet weitere Stützung in der Beobachtung, daß bei vielen Waldbaumarten nur geringe Differenzierung zwischen Populationen für eine große Zahl von genetischen Markern vorliegt, während quantitativ genetische Untersuchungen an stark genetisch kontrollierten phänotypischen Merkmalen deutliche Differenzierungen vor allem für unmittelbar adaptive Merkmale zeigen (Degen). Welche Rolle hierbei Marker für die Regulation von Genaktivitäten spielen könnten ist weitgehend unbekannt. Der Einsatz dieses Typs von genetischem Marker im Umgang mit genetischen Ressourcen scheint noch weit von der Praxisreife entfernt zu sein.

Die Integrität einer genetischen Ressource ist besonders durch ihre Identität und Regenerationsfähigkeit gekennzeichnet. Letzteres trifft auch auf die in Genbanken statisch konservierten Ressourcen zu. Die Identitätssicherung erfordert unter anderem Prüfungen der Abstammung bzw. der Kontamination durch außenbürtige genetische Information. In beiden Fällen ist man auf Vergleiche der Ressource mit genetisch unterschiedlichen potenziellen Ursprüngen angewiesen. Die Art des genetischen Markers ist hierfür weniger bedeutsam, wenn er nur hinreichend hohe Variation zeigt, möglichst kodominant ist und zwischen den potenziellen Ursprüngen deutlich variiert. Abstammungsprüfungen können recht unterschiedliche Ziele verfolgen, wie sie etwa durch die Bestimmung im Wesentlichen abgeleiteter Sorten (Korzun) oder die Charakterisierung von Fischpopulationen (Kohlmann) gekennzeichnet sind. Selbst Prüfungen auf Pollenkontamination während der Regenerationsphase von ansonsten statisch konservierten Akzessionen bauen auf ähnlichen Analyseprinzipien auf, indem sie die Entdeckung und den Ursprung einzelner genetischer Varianten verfolgen, welche nicht dem Zielkollektiv angehören (Börner et al.).

Dauerbeobachtungen im Sinne eines genetischen Monitoring werden als ein wichtiger Beitrag zur Sicherung genetischer Ressourcen betrachtet. Sie sollten sowohl die verschiedenen Nutzungsformen repräsentativ erfassen als auch verschiedene Referenzflächen einbeziehen, welche weitgehend frei von direkter Nutzung sind bzw. der Erhaltung dienen. Dies ist erforderlich, um die mit den Nutzungsformen und Erhaltungsmaßnahmen verbundenen Erwartungen für die Dynamik genetischer Strukturen auf ihre Haltbarkeit zu überprüfen (z.B. die Wirkung verschiedener effektiver Populationsgrößen betreffend), und um auf dieser Grundlage eine ständige Anpassung der Strategien und Methoden zur Sicherung genetischer Vielfalt zu ermöglichen (Maurer, Frese).

Bewertung genetischer Vielfalt

Das Problem der Bewertung genetischer Vielfalt ist wohl nur in Verbindung mit spezifischen Zielsetzungen zweckmäßig zu behandeln. So kann genetische Vielfalt ein Wert an sich sein, der sich lediglich am Ausmaß genetischer Vielfalt ausrichten könnte. Allerdings ist bei einer solchen Ausrichtung zu bedenken, daß die genetisch weniger vielfältigen von zwei Populationen genetische Eigenschaften besitzen kann, welche sich in der vielfältigeren Population nicht wiederfinden. Aus diesem Grunde ist immer neben der Vielfältigkeit innerhalb einzelner Populationen auch die Vielfalt zwischen ihnen zu berücksichtigen (Differenzierungsmuster). Andere Zielsetzungen lassen sich wiederum mit Anpassungsanforderungen verbinden. In diesem Zusammenhang kann hohe genetische Vielfalt sogar zu einer Minderbewertung führen, wenn sie sich als eine erhebliche Belastung für spezifische Anpassungsvorgänge herausstellt. Belastungen dieser Art haben meist ihren Ursprung in überhöhtem Genfluß zwischen adaptiv stark differenzierten Populationen. Da andererseits die Erhaltung der Anpassungsfähigkeit nicht ohne jeweilig aktuell wirksame genetische Last bewerkstelligt werden kann, muß eine adaptive Bewertung wesentlich die Balance zwischen Angepasstheit und Anpassungsfähigkeit definieren können.

Die Kriterien zur Bewertung genetischer Vielfalt als Entscheidungshilfe für Erhaltungsmaßnahmen wurden im Rahmen des Symposiums nur ansatzweise bearbeitet. Im Wesentlichen bildet derzeit zwar der Gefährdungsgrad an sich eine Grundlage für die Entscheidung zur Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen, das hierfür erforderliche Monitoring der Entwicklung von Beständen gefährdeter Populationen ist aber offenbar z.T. nur unzureichend organisiert und abgesichert, so dass eine wichtige Voraussetzung zur Ermittlung des Gefährdungsstatus nicht im erforderlichen Umfang gegeben ist.

Im Nutztierbereich gilt momentan die Ermittlung der effektiven Populationsgröße als Maßstab für den Gefährdungsstatus einer Population. Hier muss jedoch deutlich gemacht werden, dass weitergehende und spezifischere Berechnungsmodi für die Berechnung der effektiven Populationsgröße etabliert werden müssen, um eine qualitativ ausreichend zutreffende

Aussage zum Status einer Population auf dieser Basis treffen zu können. Die Aufteilung genetischer Variation zwischen und innerhalb von Populationen (ihr Differenzierungsmuster) sollte dann ein weiteres wichtiges Kriterium für Entscheidungen über Erhaltungsmaßnahmen genetischer Ressourcen bilden. So wird eine Entscheidung zugunsten der Erhaltung einer bestimmten Population umso einfacher, je besser sie die genetische Variation der anderen Populationen repräsentiert. Im Falle der Existenz mehrerer kleiner und genetisch einander ähnlicher Populationen wird z.B. im Nutzpflanzenbereich die Bildung evolutionärer Rassen (Frese) oder im Nutztierbereich die Zusammenführung einzelner Rassen (Schertler) erwogen. Bei Etablierung hinreichend hoher effektiver Populationsgrößen wird dann eine bessere Sicherung der in allen Populationen vorhanden genetischen Variation erwartet.

Populationen gleicher effektiver Größe können sich natürlich aufgrund unterschiedlicher Ausgangssituationen und Drifteffekte genetisch deutlich unterscheiden. Selbst wenn die durchschnittliche genealogische Verwandtschaft zweier Populationen als indirekte Kenngröße des Vergleichs zwischen Populationen herangezogen würde, könnten Drifteffekte immer noch merklich zur genetischen Differenzierung beitragen. Außerdem sind Schätzungen von Verwandtschaftsbeziehungen häufig selbst wieder auf die Verwendung genetischer Marker angewiesen. Aus diesem Grunde ist die Verwendung von genetischen Markern anstelle indirekter Kenngrößen meist unumgänglich, wie sich in allen mit genetischer Differenzierung befassten Beiträgen des Symposiums zeigt.

Weiterführende Gedanken zu einem möglichst effektiven Einsatz der begrenzten Mittel, die den drohenden Variationsverlust minimiert, sind offenbar noch gar nicht in die Praxis eingegangen und sollten ein aktives Forschungsfeld für die Zukunft sein.

Eignung der Methoden

Zwar werden immer wieder die sich aus der ständig fortschreitenden Entwicklung molekulargenetischer Methoden ergebenden neuen Chancen für die Analyse genetischer Variation hervorgehoben. Es scheint jedoch gelegentlich, daß die Auswertung dieser Chancen noch gewisse Schwierigkeiten bereitet. Einerseits können diese Schwierigkeiten in der Bewertung der Eignung genetischer Marker als Indikatoren gesamtgenetischer oder funktionsspezifischer genetischer Variation gesehen werden. Andererseits scheint aber auch die konzeptionelle Grundlegung und damit Interpretierbarkeit der verfügbaren statistischen Methoden zur Messung und Analyse genetischer Variation Anlaß andauernder Zweifel zu sein. Die Anwendung, Kritik und Entwicklung statistischer Methoden der Charakterisierung genetischer Variation ist gegenwärtig möglicherweise unverhältnismäßig hinter der Entwicklung molekulargenetischer Methoden zurückgeblieben.

Hinweise dafür ergeben sich in vielfacher Hinsicht. So trifft man selten auf Versuche, aus dem Vergleich der für verschiedene genetische Marker gewonnenen Ergebnisse weitere Einsichten zu gewinnen. Der Normalfall scheint immer noch die summarische Betrachtung von Variation etwa in Form der Mittelwertbildung über mehrere genetische Marker zu sein. Aus den Einzelvergleichen der genetischen Marker können jedoch unter Umständen mehr Erkenntnisse über ihre Bedeutung als Indikator gesamtgenetischer oder funktionsspezifischer genetischer Variation gewonnen werden. Die Möglichkeit, daß eine Rangierung von Populationen nach ihrer genetischen Diversität für verschiedene Marker unterschiedlich ausfällt, spielt hierbei eine wichtige Rolle. Die Nutzung mehrerer Maße genetischer Variation in der Datenauswertung kann überdies die unterschiedlichen Aspekte dieser Variation deutlicher werden lassen. Voraussetzung hierfür ist natürlich, daß die kennzeichnenden Eigenschaften der Maße expliziter Bestandteil der Auswertung sind. Ähnliche Möglichkeiten bestehen in der Verwendung unterschiedlicher effektiver Populationsgrößen (neben der Inzucht- z.B. auch die Varianz-, Reproduktions- oder Drifteffekte) zur Eingrenzung des Verlustes genetischer Variation.

Besonders nachdenklich stimmt die recht unterschiedliche Beurteilung der Verteilung genetischer Variation zwischen Waldbaumpopulationen auf der Grundlage molekularer genetischer Merkmale und genetisch kontrollierter phänotypischer Merkmale. Der Aufklärung dieses Widerspruches muß hohe Bedeutung beigemessen werden, da er die Eignung gebräuchlicher genetischer Marker für eine Einschätzung relevanter (z.B. adaptiver) genetischer Variation stark in Frage stellt. Eine explizite Klassifizierung genetischer Merkmale nach ihren Indikationseigenschaften und die in diesem Sinne konsequent zielführende Anwendung wird mehr Gewicht erhalten müssen. Die bislang verfügbaren Klassifikationsansätze (wie z.B. Selektionsneutralität) scheinen vielfach zu unspezifisch und ungenau, um eine klare problemorientierte Beurteilung vornehmen zu können.

Als ein zentrales Anliegen des genetischen Monitoring kann sich herausstellen, daß Dauerbeobachtungen sich genetischer Indikatoren bedienen müssen, welche nicht nur den jeweiligen Stand der biochemischen bzw. molekularen Techniken berücksichtigen. So wird darauf zu achten sein, ob neue Techniken ihre Vorgänger ersetzen oder nur ergänzen können. Auch die Eignung der direkten und indirekten Kenngrößen genetischer Variation wird Gegenstand der Beobachtung sein müssen. Dauerbeobachtungen können auf diese Weise zugleich der Methodenprüfung und -entwicklung dienen.

Fazit

Die Charakterisierung genetischer Vielfalt ist noch stark im Fluß und in der Entwicklung. Die Abwägung zwischen selektionsneutralen genetischen Markern und funktionellen Allelen ist noch weitgehend unklar. Bewertungskriterien orientieren sich derzeit im Wesentlichen am Ausmaß der Bedrohung bzw. an den Kosten und lokal gegebenen Möglichkeiten zur Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen. Allerdings sind die Voraussetzungen zur Ermittlung des Gefährdungstatus über ein entsprechendes Monitoring in allen Bereichen nicht oder nur unzureichend gegeben. Lediglich im Nutztierbereich wird als Maß für den Gefährdungstatus die effektive Populationsgröße angewandt, die jedoch keine Bewertung der Diversität zwischen den Populationen zulässt. Es besteht daher aktuell akuter Forschungsbedarf zur Entwicklung geeigneter statistischer Methoden zur Messung der genetischen Vielfalt, zur problemorientierten Klassifikation und gegebenenfalls Neuentwicklung genetischer Marker sowie zur Ableitung von Bewertungskriterien in Abhängigkeit von der Zielsetzung von Erhaltungsmaßnahmen.